```
<!--StartFragment-->RESULT 1
US-08-363-208-1
; Sequence 1, Application US/08363208
; Patent No. 5767366
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Sathasivan, Kanagasabapathi
;    APPLICANT:  Murai, No. 5767366imoto
;    TITLE OF INVENTION:  A Mutant Acetolactate Synthase Gene From
;    TITLE OF INVENTION:  Arabidopsis Thaliana For Conferring Imidazolinone
;    TITLE OF INVENTION:  Resistance To Crop Plants
;    NUMBER OF SEQUENCES:  2
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Llewellyn A. Proctor, Sr.
;      STREET:  11481 Sheraton Drive
;      CITY:  Baton Rouge,
;      STATE:  LA
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  70815
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.25
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/363,208
;      FILING DATE:
;      CLASSIFICATION:  800
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 07/657,429
;      FILING DATE:  19-FEB-1991
;      CLASSIFICATION:  800
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Proctor Sr., Llewellyn A.
;      REGISTRATION NUMBER:  20,152
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  013911-001
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (504)275-8689
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  2365 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  double
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
US-08-363-208-1

   Query Match          41.4%;  Score 2365;  DB 2;  Length 2365;
   Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
   Matches 2365;  Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   0;  Gaps   0;

Qy     2176 CTTGTATCCATTCTCTTAACCAATAAAAAAAGAAAGAAAGATCAATTTGATAAATTTCTC 2235
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1 CTTGTATCCATTCTCTTAACCAATAAAAAAAGAAAGAAAGATCAATTTGATAAATTTCTC 60

Qy     2236 AGCCACAAATTCTACATTTAGGTTTTAGCATATCGAAGGCTCAATCACAAATACAATAGA 2295
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       61 AGCCACAAATTCTACATTTAGGTTTTAGCATATCGAAGGCTCAATCACAAATACAATAGA 120

Qy     2296 TAGACTAGAGATTCCAGCGTCACGTGAGTTTTATCTATAAATAAAGGACCAAAAATCAAA 2355
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      121 TAGACTAGAGATTCCAGCGTCACGTGAGTTTTATCTATAAATAAAGGACCAAAAATCAAA 180
```

```
Qy    2356  TCCCGAGGGCATTTTCGTAATCCAACATAAAACCCTTAAACTTCAAGTCTCATTTTTAAA 2415
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181  TCCCGAGGGCATTTTCGTAATCCAACATAAAACCCTTAAACTTCAAGTCTCATTTTTAAA 240

Qy    2416  CAAATCATGTTCACAAGTCTCTTCTTCTTCTCTGTTTCTCTATCTCTTGCTCATCTTTCT 2475
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241  CAAATCATGTTCACAAGTCTCTTCTTCTTCTCTGTTTCTCTATCTCTTGCTCATCTTTCT 300

Qy    2476  CCTGAACCATGGCGGCGGCAACAACAACAACAACAACATCTTCTTCGATCTCCTTCTCCA 2535
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301  CCTGAACCATGGCGGCGGCAACAACAACAACAACAACATCTTCTTCGATCTCCTTCTCCA 360

Qy    2536  CCAAACCATCTCCTTCCTCCTCCAAATCACCATTACCAATCTCCAGATTCTCCCTCCCAT 2595
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361  CCAAACCATCTCCTTCCTCCTCCAAATCACCATTACCAATCTCCAGATTCTCCCTCCCAT 420

Qy    2596  TCTCCCTAAACCCCAACAAATCATCCTCCTCCTCCCGCCGCCGCGGTATCAAATCCAGCT 2655
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421  TCTCCCTAAACCCCAACAAATCATCCTCCTCCTCCCGCCGCCGCGGTATCAAATCCAGCT 480

Qy    2656  CTCCCTCCTCCATCTCCGCCGTGCTCAACACAACCACCAATGTCACAACCACTCCCTCTC 2715
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481  CTCCCTCCTCCATCTCCGCCGTGCTCAACACAACCACCAATGTCACAACCACTCCCTCTC 540

Qy    2716  CAACCAAACCTACCAAACCCGAAACATTCATCTCCCGATTCGCTCCAGATCAACCCCGCA 2775
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541  CAACCAAACCTACCAAACCCGAAACATTCATCTCCCGATTCGCTCCAGATCAACCCCGCA 600

Qy    2776  AAGGCGCTGATATCCTCGTCGAAGCTTTAGAACGTCAAGGCGTAGAAACCGTATTCGCTT 2835
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601  AAGGCGCTGATATCCTCGTCGAAGCTTTAGAACGTCAAGGCGTAGAAACCGTATTCGCTT 660

Qy    2836  ACCCTGGAGGTGCATCAATGGAGATTCACCAAGCCTTAACCCGCTCTTCCTCAATCCGTA 2895
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661  ACCCTGGAGGTGCATCAATGGAGATTCACCAAGCCTTAACCCGCTCTTCCTCAATCCGTA 720

Qy    2896  ACGTCCTTCCTCGTCACGAACAAGGAGGTGTATTCGCAGCAGAAGGATACGCTCGATCCT 2955
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721  ACGTCCTTCCTCGTCACGAACAAGGAGGTGTATTCGCAGCAGAAGGATACGCTCGATCCT 780

Qy    2956  CAGGTAAACCAGGTATCTGTATAGCCACTTCAGGTCCCGGAGCTACAAATCTCGTTAGCG 3015
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781  CAGGTAAACCAGGTATCTGTATAGCCACTTCAGGTCCCGGAGCTACAAATCTCGTTAGCG 840

Qy    3016  GATTAGCCGATGCGTTGTTAGATAGTGTTCCTCTTGTAGCAATCACAGGACAAGTCCCTC 3075
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841  GATTAGCCGATGCGTTGTTAGATAGTGTTCCTCTTGTAGCAATCACAGGACAAGTCCCTC 900

Qy    3076  GTCGTATGATTGGTACAGATGCGTTTCAAGAGACTCCGATTGTTGAGGTAACGCGTTCGA 3135
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901  GTCGTATGATTGGTACAGATGCGTTTCAAGAGACTCCGATTGTTGAGGTAACGCGTTCGA 960

Qy    3136  TTACGAAGCATAACTATCTTGTGATGGATGTTGAAGATATCCCTAGGATTATTGAGGAAG 3195
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961  TTACGAAGCATAACTATCTTGTGATGGATGTTGAAGATATCCCTAGGATTATTGAGGAAG 1020

Qy    3196  CTTTCTTTTTAGCTACTTCTGGTAGACCTGGACCTGTTTTGGTTGATGTTCCTAAAGATA 3255
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021  CTTTCTTTTTAGCTACTTCTGGTAGACCTGGACCTGTTTTGGTTGATGTTCCTAAAGATA 1080
```

```
Qy    3256  TTCAACAACAGCTTGCGATTCCTAATTGGGAACAGGCTATGAGATTACCTGGTTATATGT 3315
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081  TTCAACAACAGCTTGCGATTCCTAATTGGGAACAGGCTATGAGATTACCTGGTTATATGT 1140

Qy    3316  CTAGGATGCCTAAACCTCCGGAAGATTCTCATTTGGAGCAGATTGTTAGGTTGATTTCTG 3375
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141  CTAGGATGCCTAAACCTCCGGAAGATTCTCATTTGGAGCAGATTGTTAGGTTGATTTCTG 1200

Qy    3376  AGTCTAAGAAGCCTGTGTTGTATGTTGGTGGTGGTTGTTTGAATTCTAGCGATGAATTGG 3435
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201  AGTCTAAGAAGCCTGTGTTGTATGTTGGTGGTGGTTGTTTGAATTCTAGCGATGAATTGG 1260

Qy    3436  GTAGGTTTGTTGAGCTTACGGGGATCCCTGTTGCGAGTACGTTGATGGGGCTGGGATCTT 3495
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261  GTAGGTTTGTTGAGCTTACGGGGATCCCTGTTGCGAGTACGTTGATGGGGCTGGGATCTT 1320

Qy    3496  ATCCTTGTGATGATGAGTTGTCGTTACATATGCTTGGAATGCATGGGACTGTGTATGCAA 3555
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321  ATCCTTGTGATGATGAGTTGTCGTTACATATGCTTGGAATGCATGGGACTGTGTATGCAA 1380

Qy    3556  ATTACGCTGTGGAGCATAGTGATTTGTTGTTGGCGTTTGGGGTAAGGTTTGATGATCGTG 3615
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381  ATTACGCTGTGGAGCATAGTGATTTGTTGTTGGCGTTTGGGGTAAGGTTTGATGATCGTG 1440

Qy    3616  TCACGGGTAAGCTTGAGGCTTTTGCTAGTAGGGCTAAGATTGTTCATATTGATATTGACT 3675
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441  TCACGGGTAAGCTTGAGGCTTTTGCTAGTAGGGCTAAGATTGTTCATATTGATATTGACT 1500

Qy    3676  CGGCTGAGATTGGGAAGAATAAGACTCCTCATGTGTCTGTGTGTGGTGATGTTAAGCTGG 3735
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501  CGGCTGAGATTGGGAAGAATAAGACTCCTCATGTGTCTGTGTGTGGTGATGTTAAGCTGG 1560

Qy    3736  CTTTGCAAGGGATGAATAAGGTTCTTGAGAACCGAGCGGAGGAGCTTAAGCTTGATTTTG 3795
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561  CTTTGCAAGGGATGAATAAGGTTCTTGAGAACCGAGCGGAGGAGCTTAAGCTTGATTTTG 1620

Qy    3796  GAGTTTGGAGGAATGAGTTGAACGTACAGAAACAGAAGTTTCCGTTGAGCTTTAAGACGT 3855
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621  GAGTTTGGAGGAATGAGTTGAACGTACAGAAACAGAAGTTTCCGTTGAGCTTTAAGACGT 1680

Qy    3856  TTGGGGAAGCTATTCCTCCACAGTATGCGATTAAGGTCCTTGATGAGTTGACTGATGGAA 3915
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681  TTGGGGAAGCTATTCCTCCACAGTATGCGATTAAGGTCCTTGATGAGTTGACTGATGGAA 1740

Qy    3916  AAGCCATAATAAGTACTGGTGTCGGGCAACATCAAATGTGGGCGGCGCAGTTCTACAATT 3975
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741  AAGCCATAATAAGTACTGGTGTCGGGCAACATCAAATGTGGGCGGCGCAGTTCTACAATT 1800

Qy    3976  ACAAGAAACCAAGGCAGTGGCTATCATCAGGAGGCCTTGGAGCTATGGGATTTGGACTTC 4035
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801  ACAAGAAACCAAGGCAGTGGCTATCATCAGGAGGCCTTGGAGCTATGGGATTTGGACTTC 1860

Qy    4036  CTGCTGCGATTGGAGCGTCTGTTGCTAACCCTGATGCGATAGTTGTGGATATTGACGGAG 4095
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861  CTGCTGCGATTGGAGCGTCTGTTGCTAACCCTGATGCGATAGTTGTGGATATTGACGGAG 1920

Qy    4096  ATGGAAGCTTTATAATGAATGTGCAAGAGCTAGCCACTATTCGTGTAGAGAATCTTCCAG 4155
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921  ATGGAAGCTTTATAATGAATGTGCAAGAGCTAGCCACTATTCGTGTAGAGAATCTTCCAG 1980

Qy    4156  TGAAGGTACTTTTATTAAACAACCAGCATCTTGGCATGGTTATGCAATGGGAAGATCGGT 4215
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981   TGAAGGTACTTTTATTAAACAACCAGCATCTTGGCATGGTTATGCAATGGGAAGATCGGT 2040

Qy    4216   TCTACAAAGCTAACCGAGCTCACACATTTCTCGGGGATCCGGCTCAGGAGGACGAGATAT 4275
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041   TCTACAAAGCTAACCGAGCTCACACATTTCTCGGGGATCCGGCTCAGGAGGACGAGATAT 2100

Qy    4276   TCCCGAACATGTTGCTGTTTGCAGCAGCTTGCGGGATTCCAGCGGCGAGGGTGACAAAGA 4335
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101   TCCCGAACATGTTGCTGTTTGCAGCAGCTTGCGGGATTCCAGCGGCGAGGGTGACAAAGA 2160

Qy    4336   AAGCAGATCTCCGAGAAGCTATTCAGACAATGCTGGATACACCAGGACCTTACCTGTTGG 4395
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161   AAGCAGATCTCCGAGAAGCTATTCAGACAATGCTGGATACACCAGGACCTTACCTGTTGG 2220

Qy    4396   ATGTGATTTGTCCGCACCAAGAACATGTGTTGCCGATGATCCCGAATGGTGGCACTTTCA 4455
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221   ATGTGATTTGTCCGCACCAAGAACATGTGTTGCCGATGATCCCGAATGGTGGCACTTTCA 2280

Qy    4456   ACGATGTCATAACGGAAGGAGATGGCCGGATTAAATACTGAGAGATGAAACCGGTGATTA 4515
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281   ACGATGTCATAACGGAAGGAGATGGCCGGATTAAATACTGAGAGATGAAACCGGTGATTA 2340

Qy    4516   TCAGAACCTTTTATGGTCTTTGTAT 4540
             |||||||||||||||||||||||||
Db    2341   TCAGAACCTTTTATGGTCTTTGTAT 2365
```

<!--EndFragment-->